<!--StartFragment-->RESULT 6
US-10-199-937-135
; Sequence 135, Application US/10199937
; Publication No. US20030190739A1
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Christenson, Erik
; APPLICANT: DeMaggio, Anthony J.
; APPLICANT: Goldman, Phyllis S.
; APPLICANT: McElligott, David L.
; TITLE OF INVENTION: TANKYRASE2 MATERIALS AND METHODS
; FILE REFERENCE: 27866/36559
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/199,937
; CURRENT FILING DATE: 2002-07-22
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/606,035
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-28
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/141,582
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-29
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 135
; LENGTH: 1166
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Homo sapiens
US-10-199-937-135

Query Match 99.9%; Score 5582; DB 4; Length 1166;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 0;
Matches 1064; Conservative 1; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy          1 GFGRKDVVEYLLQNGASVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 60
              |||||||||||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         67 GFGRKDVVEYLLQNGANVQARDDGGLIPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYT 126

Qy         61 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        127 PLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTIRNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESAR 186

Qy        121 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        187 SGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKSTPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLV 246

Qy        181 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        247 PLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNAMDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLL 306

Qy        241 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        307 NCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKGHSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHET 366

Qy        301 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        367 ALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGANINEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKV 426

Qy        361 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        427 NALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLLLSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGIS 486

Qy        421 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        487 LGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLCTVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLL 546
```

```
Qy        481 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        547 QHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHYEVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYE 606

Qy        541 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        607 ICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLVKDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSS 666

Qy        601 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        667 PDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNLEVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVD 726

Qy        661 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        727 VAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEAAQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVS 786

Qy        721 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        787 ADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVLNGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSG 846

Qy        781 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        847 SFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVPGVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVE 906

Qy        841 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        907 MGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVERLISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQ 966

Qy        901 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        967 SVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRYNILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANE 1026

Qy        961 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1027 RMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIGGMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKD 1086

Qy       1021 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1087 RSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSAMKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1131
<!--EndFragment-->
```

<!--StartFragment-->RESULT 7
US-11-635-811-2
; Sequence 2, Application US/11635811
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: DALY, Roger J.
; APPLICANT: SUTHERLAND, Robert L.
; TITLE OF INVENTION: A Potential Effector for the Grb7 Family of Signalling
; TITLE OF INVENTION: Proteins
; FILE REFERENCE: 1871-129
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/11/635,811
; CURRENT FILING DATE: 2006-12-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/509,196
; PRIOR FILING DATE: 2000-03-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: P09388
; PRIOR FILING DATE: 1997-09-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT AU98/00795
; PRIOR FILING DATE: 1998-09-23
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 2
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 2
; LENGTH: 1074
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Homo sapiens
US-11-635-811-2

Fast or pale

Query Match 97.1%; Score 5421; DB 7; Length 1074;
Best Local Similarity 99.5%; Pred. No. 0;
Matches 1034; Conservative 1; Mismatches 4; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy          27 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 86
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 IPLHNACSFGHAEVVNLLLRHGADPNARDNWNYTPLHEAAIKGKIDVCIVLLQHGAEPTI 60

Qy          87 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 146
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 RNTDGRTALDLADPSAKAVLTGEYKKDELLESARSGNEEKMMALLTPLNVNCHASDGRKS 120

Qy         147 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGADVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGACVNA 206
               |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db         121 TPLHLAAGYNRVKIVQLLLQHGRDVHAKDKGDLVPLHNACSYGHYEVTELLVKHGGCVNA 180

Qy         207 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCHNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 266
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db         181 MDLWQFTPLHEAASKNRVEVCSLLLSYGADPTLLNCKNKSAIDLAPTPQLKERLAYEFKG 240

Qy         267 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 326
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         241 HSLLQAAREADVTRIKKHLSLEMVNFKHPQTHETALHCAAASPYPKRKQICELLLRKGAN 300

Qy         327 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 386
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         301 INEKTKEFLTPLHVASEKAHNDVVEVVVKHEAKVNALDNLGQTSLHRAAYCGHLQTCRLL 360

Qy         387 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 446
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 LSYGCDPNIISLQGFTALQMGNENVQQLLQEGISLGNSEADRQLLEAAKAGDVETVKKLC 420

Qy         447 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 506
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 TVQSVNCRDIEGRQSTPLHFAAGYNRVSVVEYLLQHGADVHAKDKGGLVPLHNACSYGHY 480
```

```
Qy        507 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 566
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 EVAELLVKHGAVVNVADLWKFTPLHEAAAKGKYEICKLLLQHGADPTKKNRDGNTPLDLV 540

Qy        567 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 626
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 KDGDTDIQDLLRGDAALLDAAKKGCLARVKKLSSPDNVNCRDTQGRHSTPLHLAAGYNNL 600

Qy        627 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNACVNATDKWAFTPLHEA 686
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| :|||||||||||||||
Db        601 EVAEYLLQHGADVNAQDKGGLIPLHNAASYGHVDVAALLIKYNASLNATDKWAFTPLHEA 660

Qy        687 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 746
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 AQKGRTQLCALLLAHGADPTLKNQEGQTPLDLVSADDVSALLTAAMPPSALPSCYKPQVL 720

Qy        747 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 806
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        721 NGVRSPGATADALSSGPSSPSSLSAASSLDNLSGSFSELSSVVSSSGTEGASSLEKKEVP 780

Qy        807 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 866
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        781 GVDFSITQFVRNLGLEHLMDIFEREQITLDVLVEMGHKELKEIGINAYGHRHKLIKGVER 840

Qy        867 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 926
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        841 LISGQQGLNPYLTLNTSGSGTILIDLSPDDKEFQSVEEEMQSTVREHRDGGHAGGIFNRY 900

Qy        927 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 986
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        901 NILKIQKVCNKKLWERYTHRRKEVSEENHNHANERMLFHGSPFVNAIIHKGFDERHAYIG 960

Qy        987 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1046
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        961 GMFGAGIYFAENSSKSNQYVYGIGGGTGCPVHKDRSCYICHRQLLFCRVTLGKSFLQFSA 1020

Qy       1047 MKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1065
              ||||||||||||||||||||
Db       1021 MKMAHSPPGHHSVTGRPSV 1039

<!--EndFragment-->
```